

EXHIBIT A

align output for seq id no. 9 vs. CDC4 (X05625)

[ISREC-Server] Date: Mon Feb 4 19:46:27 Europe/Zurich 2008

LALIGN finds the best local alignments between two sequences version 2.0u66 September 1998 Please cite: X. Huang and W. Miller (1991) Adv. Appl. Math. 12:373-381 resetting to DNA matrix

Comparison of:

(A) ./wwtmp/lalign/.7956.1.seq seq id no. 9

- 2076 n

(B) ./wwtmp/lalign/.7956.2.seq CDC4 (X05625)

- 2954 n

using matrix file: DNA, gap penalties: -14/-4

56.3% identity in 350 nt overlap; score: 173 E(10,000): 3.9e-05

```

seq      1360      1370      1380      1390      1400      1410
TCCCCTG-CCTGGTACAAAGAA-AAGCAAAAAGAATT-TACGAAGATTGTGATCTCTTAT
:  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
CDC4     TACCATGACCTTTCCAGAGAATAAGCATT--GACTCATACTTAGATAAT-ATAGCTTAA
      2630      2640      2650      2660      2670

```

```

seq      1420      1430      1440      1450      1460      1470
TAAATCAATTGT-TACTGATCATGAATGTT-AGTTAGAAAATGTTAGGTTTTAACTTAAA
:  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
CDC4     TAAGT-AGTTATATAATCAGTAAAAAAGTACAATAACAACCTTCGTACATTTTAT-TGAAT
      2680      2690      2700      2710      2720      2730

```

```

seq      1480      1490      1500      1510
AAAAATTGTA-----TTGTGATTTTCAATTTTA---TGTTGA---AATCGGTGT
:  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
CDC4     ATAAACTGCAGCTAAACTGCTTGT-ATGTTCAATTTTAATTGTGTTTACAAAAAGGGTGC
      2740      2750      2760      2770      2780      2790

```

```

seq      1520      1530      1540      1550      1560      1570
AGTATCCTGAGGTTTTTTTCCCCCAGAAGATAAAGAGGATAG-ACAACCTCTTAAATA
:  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
CDC4     CGTTTATTAATTAATGTTTCTTCCCTGAAAATAT---GGAAAGTACAAGTTTTTAG----
      2800      2810      2820      2830      2840

```

```

seq      1580      1590      1600      1610      1620      1630
TTTTTACAATTTAATGAGAAAAAGTTTAAAT--TCTCAATACAAATCAAACAATTTAAA
:  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
CDC4     --TTGAGAAGGGTTTAAAGAAAGTTTGAATATGATCTAAAAAATATAAAGCAATCAAA
      2850      2860      2870      2880      2890      2900

```

```

seq      1640      1650      1660      1670      1680
TATTTTAAGAAAAAA-GGAAAAGTAGATAGTGATACTGAGGGTAAAAAAA
:  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
CDC4     GA---AATAAAAGCTGGAAAATGCGTAATA--ACCGAAGTGAATAAAA
      2910      2920      2930      2940      2950

```

56.8% identity in 183 nt overlap; score: 124 E(10,000): 0.48

```

seq      1470      1480      1490      1500      1510      1520
ACTTAAAAAAATTTGTATTGTGATTTTCAATTTT--ATGTTGAAATCGGTGTAGTATCC-
:  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::

```

EXHIBIT A

```

CDC4  ACTTCAAAAATTTATTATTTAGATT---AGTTGCCAACATGGATAGGAGTGAACTATCCG
      1020      1030      1040      1050      1060      1070

      1530      1540      1550      1560      1570
seq   ---TGAGGTTTTTTTCCCCCAGAAGATAAAGAGGATAGACAACCTCTTAAAAATATTTTT
      :: :: :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CDC4  ACTTGGGGACTTTAATCAAGGATAATTTAAAGAGG---GAC-----CTAATAACGTCTTT
      1080      1090      1100      1110      1120

1580      1590      1600      1610      1620      1630
seq   ACAATTTAATGAGAAAAAGTTT-AAAATTCTCAATA-----CAAATCAAACAATTTAAAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CDC4  GCCTTTTGA---AATAAGTTTGAAAATTTTCAATTATTTGCAATTCGAGGATATTATAA
      1130      1140      1150      1160      1170

seq   ATT
      :::
CDC4  ATT
      1180

```

55.0% identity in 269 nt overlap; score: 116 E(10,000): 2.2

```

seq   1170      1180      1190      1200      1210      1220
      CATTGAAAAAGAACGAAAGCCTCAAAGCCTGTATTGCTGTAAT-TCACCTGCAA--AAT
      :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CDC4  CAGTAAAAAAGTACAATAACAAC--TCGTACATTTTATTGAATATAAACTGCAGCTAAA
      2700      2710      2720      2730      2740      2750

      1230      1240      1250      1260      1270      1280
seq   ATGATTGCTATTTACAACGGGCAACCTGCAAACGAGAAGGCTGTGGATTTGATTATTGTA
      :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CDC4  CTGCTTG-TATGTTCAATTTTAATTGTGTTTACAAAAAGG--GTGCCGTTTATTAATTAA
      2760      2770      2780      2790      2800

      1290      1300      1310      1320      1330
seq   CGAAGTGTCTCTGTAATTATC-ATACTACTAAAGACTGTTTCAGATGGCAAGCTCCTCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CDC4  TGTTTCTTCCCTGAAAATATGGAAAGTAC--AAG--TTTTTAGTTGAGAAGG--GTTTAA
      2810      2820      2830      2840      2850      2860


1340      1350      1360      1370      1380      1390
seq   GCCAGTTGTAAATAGGTCCCCTGCCTGGTACAA-AGAAAAGCAA--AAAGAATTTACGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CDC4  GAAAGTTTTGAAAATGATC-----TAAAAAATATAAAAGCAATCAAAGAAATAA--A
      2870      2880      2890      2900      2910

      1400      1410      1420
seq   AGATTGTGATCT-CTTATTAAATCAATTG
      :: : : : : : : : : : : : :
CDC4  AGCTGGAAAAATGCGTAATAACCGAAGTG
      2920      2930      2940

```

[Back to ISREC bioinformatics group home page](#)

EXHIBIT A

 lalign output for seq id no. 9 vs. Grr1 (M59247)

[ISREC-Server] Date: Mon Feb 4 19:51:18 Europe/Zurich 2008

LALIGN finds the best local alignments between two sequences version 2.0u66 September 1998 Please cite: X. Huang and W. Miller (1991) Adv. Appl. Math. 12:373-381 resetting to DNA matrix

Comparison of:

(A) ./wwwtmp/lalign/.20359.1.seq seq id no. 9 - 2076
(B) ./wwwtmp/lalign/.20359.2.seq Grr1 (M59247) - 4470

using matrix file: DNA, gap penalties: -14/-4

54.4% identity in 522 nt overlap; score: 128 E(10,000): 0.34

```
1160      1170      1180      1190      1200      1210
seq      AAGACATTGAAAAAGAACGAA-AGC-CTCAAAGCCTGTATTCGCTGTAATTCACCTGCAA
      :: : :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1     AAAATATTAAACAATTATAGAAGAGTACAAAAAGTCATTATATGCA-TACTGCCATTCCAA
1210      1220      1230      1240      1250      1260

      1220      1230      1240      1250      1260      1270
seq      AATATGATTGCTATTTACAACGGGCAACCTGCAAACGAGAAGGCTGTGGATTGTGATTATT
      :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1     GCTAAGAGGTCA----ACAA-GTGGAAAATCCAACAGATAATT-TCATCATTTGGATAAA
1270      1280      1290      1300      1310      1320

      1280      1290      1300      1310      1320      1330
seq      GTACGAAGTGTCT-CTGTAATTATCATACTACTAAAGACTG--TTCA-GATGG--CAAGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1     CTCCATAGATACTACTG-AATCATCTGACTTG-AAAGAAGGGCTACAAGATCTTTTCGAGA
      1330      1340      1350      1360      1370      1380

      1340      1350      1360      1370      1380
seq      TCCTCAAAGCCAGTTGTAAAATAG-GTCCCCT-GCCTGGTACAAAGAAAAGCAAA---AA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1     TATTCAAGGC-AGTTCATAAATAATGTGCTTTTGAATCCATCAAATCAAAACATATGTAC
      1390      1400      1410      1420      1430

      1390      1400      1410      1420      1430
seq      GAATTTA---CGAAGAT----TGTGATCTCTTATTAAATCAATTGTTACTGATCATGAAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1     GAGTGTACCCCGAAGATCACCTGTGTTTGCCC--TAAA-CA--TGCTACCC-TCGGAAAT
1440      1450      1460      1470      1480      1490

      1440      1450      1460      1470      1480      1490
seq      GTTAGTTAGAAAATGTTAGGTTTTAACTTAA--AAAAAATTGTATTGTGATTTTCAATT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1     ATTAC--ACTTAATATTAGATA--AACTTAACCAAAAATATGATATTGTAAAATTCCTTA
      1500      1510      1520      1530      1540

      1500      1510      1520      1530      1540
seq      TTATGTTGAAA-TCGG---TGTAAGTA-TCCTGAGGTTTTTTT-----CCCCCAG-A
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1     CCGTTTCCAAACTCTGGGCTGAAATAATTGTGAAGATACTTTATTACAGACCGCACATCA
1550      1560      1570      1580      1590      1600
```

EXHIBIT A

```

      1550      1560      1570      1580      1590
seq    AGATAAAGAGGA---TAGACAACCTCTTAA--AATATTTTTTACAATTTAATGAGAAAAAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1   ACAAAAAGAGTCAATTAGACTTGTTTTTAAGGACTATGAAGTTAACTTCTGAAGAAACTG
      1610      1620      1630      1640      1650      1660

      1600      1610      1620      1630
seq    TTTAAATTTCTCAATACAA-ATCAAACAATTTAAATATTTTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1   TATTCAACTATCGTTTAATGATCAAA-AGATTAAATTTTTC
      1670      1680      1690      1700      1710

```

55.5% identity in 229 nt overlap; score: 117 E(10,000): 2.8

```

      1290      1300      1310      1320      1330      1340
seq    TCTGTAATTATCATACTACTAAAGACTGTTTTCAGATG-GCAAGCTCCTCAAAGCCAGTTGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1   TTTGGCAATAGAATGCAATATCACCTGACCAGATGAGGAATCTCCA-AATGGGACTTCG
      3810      3820      3830      3840      3850      3860

      1350      1360      1370      1380      1390      1400
seq    AAAATAGGTCCCCTGCCTGGTACAAAGAAAAGCAAAAAGAATTTACGAAG-ATTG--TGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1   TAATCAGAACA--TGTTTAGGAACAATAACAACAACAC-AATTGACGAATCAATGCCTGA
      3870      3880      3890      3900      3910

      1410      1420      1430      1440      1450
seq    T-CTCTTATTAAATC---AATTGTTACTG-ATCATGAATGTTAGTTAGAAA-ATGTTAGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1   CACTGCCATTGATTCTCAAATGGATGAAGCATCAGGAACGCCCGATGAAGATATGTTATA
      3920      3930      3940      3950      3960      3970

      1460      1470      1480      1490      1500
seq    TTTTAACTTAAAAAAATTGTATTGTGATTTT-CAATTTTATGTTGAAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1   ATTGTATTTTCAATTGAATACTTACTGTCCTACTACACCTTTATTTTCAA
      3980      3990      4000      4010      4020

```

56.3% identity in 199 nt overlap; score: 112 E(10,000): 7.3

```

      1880      1890      1900      1910      1920      1930
seq    TTTCCAAGAAAGTATCCTTTGTAAAACTTGCTTGTTTTCTTATTTCTGAAATCTGTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1   TGTTCCAATTATCGAAGCTGGGCAAAAACCTTGCAAACAGTGC--ATTT-TGGGCACTGTT
      2380      2390      2400      2410      2420

      1940      1950      1960      1970      1980      1990
seq    TTAATATTTTTGTATACATGTAAATATTTCTGTATTTTTTATATGTCAAAGAATAT-GTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1   TCAATATAACTGATAACGGGGTAAGAGCACTCT--TTCATTCATGTACAAGAATACAGTA
      2430      2440      2450      2460      2470      2480

      2000      2010      2020      2030      2040
seq    T-----CTT---GTA-TGTAC--ATATAAA-AATAAATTTTGCTCAATAAAATTGTAAGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Grr1   TGTGGACTTTGCGTGCTGTACGAATTTAACCAATAGAAGT--CTTTATGAAGTAGCAGAC
      2490      2500      2510      2520      2530      2540

```

EXHIBIT A

```
      2050      2060
seq    TTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
      :::  ::::  ::: :  ::
Grr1   TTACCAAAATTAAAGAGAA
      2550      2560
```

[Back to ISREC bioinformatics group home page](#)